

Kapitel 1

Einleitung

Zahlreiche Milcherzeugnisse verdanken ihre Herstellung und Eigenschaften der fermentativen Aktivität verschiedener Mikroorganismen, wie Schimmelpilze, Hefen oder Milchsäurebakterien. Dabei ist *Streptococcus thermophilus* eines der ökonomisch wichtigsten Milchsäurebakterien und wird in der milchverarbeitenden Industrie als Starterkultur für die Produktion verschiedener Milchprodukte, z. B. Joghurt und Käse, eingesetzt.

Das Bakterium wird industriell in einem Fermentationsprozess hergestellt und als fertiges Starterprodukt an die Lebensmittelindustrie geliefert. Die Herstellungsprozesse beruhen dabei auf langjähriger Erfahrung und traditionellen Verfahren. Aufgrund der gestiegenen Nachfrage nach dieser Starterkultur in den letzten Jahren [44] und Konkurrenzdruck in der Industrie, kommt der Wirtschaftlichkeit der Prozesse erhöhte Priorität zu. Die bisherigen Produktionsprozesse sind in Qualität und Quantität nicht mehr geeignet, dem Bedarf gerecht zu werden. Durch Anwendung moderner Methoden der Prozessoptimierung und -automatisierung können jedoch Ausbeute des Kultivierungsprozesses gesteigert und Güte des fertigen Produktes sichergestellt werden.

Mathematische Modelle dynamischer Systeme bilden die Grundlage für die Simulation, Regelung und Optimierung der zugrundeliegenden Prozesse. Darüber hinaus tragen Modelle, besonders bei komplexen und nichtlinearen Zusammenhängen, zum besseren Verständnis der inneren Vorgänge eines Prozesses bei, was eine Voraussetzung für eine zielgerichtete, modellbasierte Optimierung und Entwicklung neuer Prozessführungsstrategien darstellt.

Ziel der Arbeit soll es daher sein, ein Modell für den Kultivierungsprozess des Bakteriums *Streptococcus thermophilus* zu entwickeln, das die Basis für eine mo-

derne modellbasierte Prozessautomatisierung bietet. Das Modell soll zunächst das Verständnis für die Dynamik des biologischen Systems fördern, um realistische Ziele für eine Prozessoptimierung formulieren zu können, und als Planungsinstrument für erweiterte Prozessführungsstrategien dienen. Weiterhin kann ein Modell als ein Hilfsmittel zur Online-Prozessdiagnose, Beobachtung von online nicht messbaren Größen und letztendlich zur Regelung des Prozesses dienen.

Eine Systemidentifikation besteht generell aus zwei Schritten: strukturelle Identifikation und Parameteridentifikation. Die Modellstruktur kann mit Hilfe verschiedener Experimente untersucht und durch eine mathematische Formulierung beschrieben werden. Für die Parameteridentifikation wird die Struktur des Modells als bekannt vorausgesetzt. Es werden darauf geeignete Optimierungsverfahren angewendet, um den Parametervektor zu bestimmen, der das Systemverhalten angemessen beschreibt. Die Modellierungsaufgabe erfordert dabei Erfahrung und Vorherwissen über den Prozess. Das Problem der Modellidentifikation und Parameterschätzung ist darüberhinaus eine mathematisch anspruchsvolle Aufgabe.

Um das Modell auf weitere Bakterienstämme problemlos übertragen zu können, muss zum einen untersucht werden, ob die Modellstruktur auch für diese Stämme angemessen ist, zum anderen muss die Parameteridentifikation so erfolgen, dass sie ohne Eingriff eines Nutzers auskommt und robust zu zuverlässigen Ergebnissen kommt. Nur dann ist eine sinnvolle Anwendung der Methodik in einem Produktionsbetrieb ohne mathematisch geschultes Personal möglich.

In Kapitel 2 soll das betrachtete Bakterium *Streptococcus thermophilus* vorgestellt und seine Bedeutung in der Lebensmittelindustrie betrachtet werden. Der Herstellungsprozess der Kultur und die relevanten Stoffwechsel- und Fermentationsprozesse werden genauer untersucht, sowie wichtige Prozessgrößen aufgezeigt.

Die zur Verfügung stehenden Materialien und die Methodik zur Durchführung der experimentellen Versuche im Labormaßstab werden in Kapitel 3 erläutert. Dies beinhaltet neben Zusammensetzung der Medien, Ausstattung des Labors, Prozessaufbau und der eingesetzten Messtechnik auch Methoden zur Messdatenaufbereitung.

Kapitel 4 geht zunächst auf die Grundlagen der Modellierung biotechnologischer Prozesse ein und untersucht darauf aufbauend die Modellstruktur des betrachteten Fermentationsprozesses. Neben den dynamischen Größen des Zellwachstums, Stoffabbau und -produktion werden Ausdrücke zur Beschreibung wichtiger Eigenschaften des Mediums und der Starterkultur abgeleitet. Als prozesskritische Größe wird der Einfluss des pH-Wertes auf die Dynamik der Zellkultivierung untersucht.

Die Parameteridentifikation als zweiter Schritt der Modellbildung schließt sich der Identifizierung der Modellstruktur an. Dafür werden zunächst einige strukturelle Eigenschaften des Modells näher untersucht, um die Parameterschätzverfahren auf die Modellstruktur anpassen zu können. Die Parameterschätzaufgabe wird als Optimierungsproblem formuliert und geeignete Gütekriterien diskutiert. Zwei Optimierungsverfahren, ein Genetischer Algorithmus und ein Downhill-Simplex-Algorithmus, die geeignet erscheinen, die vorliegende Parameterschätzaufgabe numerisch zu lösen, werden vorgestellt und zu einem hybriden Verfahren verbunden. Die Eigenschaften des hybriden Optimierungsalgorithmus werden erörtert und schließlich die Ergebnisse der Parameterschätzung diskutiert.

Eine Modellverifikation, die auf dem Vergleich von Simulationen mit experimentellen Messdaten beruht, folgt in Kapitel 6.

Mögliche Übertragungen der vorgestellten Verfahren auf weitere Anwendungen werden in Kapitel 7 aufgezeigt. Dazu gehört z. B. die Übertragung der Modellstruktur und der Parameterschätzmethodik auf erweiterte Prozessführungsstrategien sowie einen weiteren Stamm des Bakteriums *Streptococcus thermophilus*.

Die Zusammenfassung der Ergebnisse, die Diskussion der erreichten Ziele und ein Ausblick auf mögliche weitere Untersuchungen schließen diese Arbeit ab.